

## Validação de marcador SNP associado à resistência do Crestamento Bacteriano Comum no acesso de feijão-comum CB911921 (QTL-SU91)

Laysla Morais Coêlho<sup>1</sup>, Lucas Matias Gomes-Messias, Paula Pereira Torga, Rosana Pereira Vianello, Joaquim Geraldo Caprio da Costa e Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza

<sup>1</sup> Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: laysla.agro@gmail.com

**Resumo** - A Seleção Assistida por Marcadores Moleculares (SAMM) é uma ferramenta com grande potencial de reduzir os custos e o tempo gasto no desenvolvimento de cultivares em programas de melhoramento. Pensando nisso, o objetivo desse trabalho foi validar o marcador snpPV0039 associado ao QTL-SU91 de resistência ao Crestamento Bacteriano Comum (CBC), doença ocasionada pela *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e sua variante, *X. fuscans* subsp. *fuscans*, sendo a principal bacteriose que afeta a cultura do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) no Brasil. Foram semeadas 218 sementes de uma população F<sub>2</sub> derivada do cruzamento entre CB911921 (QTL-SU91; resistente) e um genitor suscetível de grão pretos, além de seis sementes de cada testemunha (CB911921, BRS Esteio, BRS FP403 e Rosinha), totalizando 242 plantas. Aos 10 dias após a semeadura, foi realizada a inoculação com o isolado Xap CNF19, em concentração de 10<sup>8</sup> UFC mL<sup>-1</sup>. A avaliação dos sintomas foi realizada aos 11 dias após a inoculação, utilizando uma escala de notas com graus de reação de 0 a 6. Foi realizada a extração do DNA (Brondani et al., 1998) e a PCR utilizando o reagente *Taqman*® *GTXpress*<sup>TM</sup>. Foram realizadas as análises de ligação entre o marcador snpPV0039 e o loco QTL-SU91 de resistência à CBC e estimada a eficiência de seleção (ES%) para o marcador. Os dados de fenotipagem e genotipagem foram submetidos ao teste de Qui-quadrado ( $\chi^2$ ). Das 218 plantas F<sub>2</sub> fenotipadas, 159 foram caracterizadas como resistentes e 59 como suscetíveis, revelando ajuste à proporção esperada de 3R\_:1rr ( $\chi^2 = 0.49$ ; p = 0.48). O snpPV0039 segregou conforme proporção de 1RR:2Rr:1rr ( $\chi^2 = 1.5$ ; p = 0.47). Quanto à análise de ligação gênica, o marcador snpPV0039 utilizado na genotipagem da população estudada está ligado ao alelo QTL-SU91, com fração de recombinação de aproximadamente 0.1 (10 cM). Por fim, o marcador snpPV0039 apresentou eficiência de seleção de 96%, evidenciando a importância da utilização na seleção precoce de genótipos.

Termos para indexação: CBC, Xap, SAMM.